

## Поиск и описание прокариотических защитных систем токсин-антитоксин третьего типа

Научный руководитель – Алексеевский Андрей Владимирович

*Селифонов Игорь Владимирович*

*Студент (специалист)*

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет  
биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия

*E-mail: slfn@inbox.ru*

Защитные системы токсин-антитоксин третьего типа (ТА-III) семейства ToxIN состоят из токсина – эндорибонуклеазы ToxN и РНК-антитоксина ToxI. РНК-антитоксин ToxI образуется путем нарезки содержащего повторы транскрипта, синтезированного с гена, расположенного непосредственно перед геном белкового токсина ToxN [1, 2]. Ранее, в работе Blower et al. 2012 были выделены и проанализированы 125 систем ToxIN [1]. Судя по последним обзорам абортивных защитных систем и анализу литературы в Pubmed, более полных исследований распространенности и эволюции систем ToxIN не проводилось. Нами проводится поиск в геномах прокариот новых систем ToxIN, их описание, анализ их распространения и эволюции.

С использованием программы hmmsearch пакета HMMER был проведен поиск по HMM-профилю ToxN PF13958 в 37104 протеомах бактерий, для которых в базе данных NCBI имеется геном с уровнем сборки “Complete genome”. Для исключения из анализа ортологов было отобрано по одной (лучшей) находке из каждого протеома, где таковые имелись. Для полученных 1999 находок было построено распределение весов, по которому было выбрано пороговое значение, отделяющее потенциально истинные находки (339) от ложных. Из геномов с хорошими находками были вырезаны участки ДНК, содержащие 800 нуклеотидов до старт-кодона гена ToxN и первые 100 нуклеотидов его рамки считывания. После этого в полученных фрагментах был проведен поиск мотивов de novo с помощью программы meme пакета MEME Suite. В результате в 304 последовательностях был найден мотив длиной 33 нуклеотида, присутствующий в каждой из них в количестве от 1 до 14 копий.

Сами последовательности находок были выравнены по тому же профилю с помощью программы hmalign. По их выравниванию было построено филогенетическое дерево программой FastME. Сопоставление полученного дерева с информацией о количестве повторов, соответствующих ToxI, перед каждым из генов показывает, что белки из клад высокого уровня обычно имеют одинаковое или близкое число повторов.

### Источники и литература

- 1) Blower, T. R. Short, F. L. Identification and classification of bacterial Type III toxin-antitoxin systems encoded in chromosomal and plasmid genomes // Nucleic Acids Research. 2012, № 40(13), p. 6158–6173.
- 2) Goeders, N. Chai, R. Structure, Evolution, and Functions of Bacterial Type III Toxin-Antitoxin Systems // Toxins. 2016, №8(10), p.282.